
Práctica de PRO2 - Primavera 2020 - entrega final provisionalX69428_es

Este problema permite hacer entregas de prueba de la práctica completa. Tened en cuenta que:

- no es el canal para hacer la entrega definitiva de la práctica
- el problema del Jutge de la entrega definitiva puede contener elementos o condiciones diferentes de los que aparecen en este problema
- las entregas realizadas en este problema no serán tenidas en cuenta para la nota de la práctica
- en esta entrega no pedimos carpetas generadas mediante `doxygen`, pero los ficheros de la clases pueden llevar todos los comentarios `doxygen` que queráis; de hecho recomendamos que incluyáis las especificaciones de todas las operaciones y que sean lo más definitivas posible

Observación

El Jutge prueba vuestras entregas mediante 4 juegos de pruebas:

- `sample`: el juego de pruebas público
- `privat1`: combinación de los juegos de pruebas de la entrega intermedia con una situación nueva de eficiencia (gestión de las distancias)
- `privat2`: un poco de todo sobre clusters
- `privat3`: eficiencia de clusters

En un fichero llamado `practica.tar` tenéis que entregar

- Los ficheros `.hh` y `.cc` de las clases y el programa principal
- El fichero `Makefile`, que usaremos para generar y probar el ejecutable

Tened en cuenta las siguientes restricciones:

- El fichero que contiene el programa principal se ha de llamar `program.cc`
- El `Makefile` ha de generar un ejecutable llamado `program.exe`
- Es importante que uséis las opciones de compilación del Jutge de PRO2 (ved Documentation → Compilers → PRO2 a www.jutge.org)
- No usar la opción `-D_GLIBCXX_DEBUG` o usarla de forma incorrecta podrá ser penalizado

Producid el fichero `practica.tar` con la instrucción Linux

```
tar -cvf practica.tar fitxer1 fitxer2 fitxer3 ...
```

desde el directorio/carpeta donde tengáis los ficheros que vais a entregar. incluid esta instrucción en vuestro Makefile, de forma que el .tar se pueda generar ejecutando make practica.tar. Con eso reduciréis el riesgo de error en sucesivas entregas. El Jutge no acepta .tar donde los ficheros estén dentro de carpetas. Recomendamos usar GNU tar para reducir el riesgo de que el fichero practica.tar sea incompatible con el Jutge. No es necesario incluir BinTree.hh en practica.tar.

Ejemplo de entrada

3			
lee_cjt_especies			ejecuta_paso_wpgma
5			ejecuta_paso_wpgma
d	GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG		imprime_cluster ac
e	TACACCATTAACCGGTGGGG		inicializa_clusters
a	AAAAGATGACCAGCGTAATG		crea_especie nuevo2 AAA
b	GCAACCTTTGTGGGCGCAGT		imprime_arbol_filogenetico
c	ACGATTTGCGTAAGCTATGT		
imprime_cjt_especies			
tabla_distancias			
imprime_arbol_filogenetico			lee_cjt_especies
crea_especie f	GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	0	
crea_especie g	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA		imprime_cjt_especies
			tabla_distancias
imprime_cjt_especies			imprime_arbol_filogenetico
tabla_distancias			
imprime_arbol_filogenetico			ejecuta_paso_wpgma
elimina_especie nuev1			crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
crea_especie nuev1	TTTAAACCCGGG		imprime_cjt_especies
			tabla_distancias
inicializa_clusters			obtener_gen pangolin
			imprime_arbol_filogenetico
elimina_especie a			ejecuta_paso_wpgma
			fin
imprime_cjt_especies			
tabla_distancias			
ejecuta_paso_wpgma			
imprime_cluster c			
ejecuta_paso_wpgma			
imprime_cluster ac			
imprime_cluster eg			
imprime_cluster enuev1			
ejecuta_paso_wpgma			
ejecuta_paso_wpgma			
imprime_cluster ac			
crea_especie nuevo2	AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCCTTACCA		

Ejemplo de salida

```
# lee_cjt_especies

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871)
c: d (83.871) e (94.1176)
d: e (97.1429)
e:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]

# crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100)
e: f (100) g (100)
f: g (9.52381)
g:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbefg, 49.6528) [(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]][d]][(be, 41.9355) [b][e]]]

# elimina_especie nuev1
ERROR: La especie nuev1 no existe.

# crea_especie nuev1 TTAAACCCGGG

# inicializa_clusters
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuev1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuev1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuev1 (96.5517)
g: nuev1 (96.5517)
nuev1:

# elimina_especie a
# imprime_cjt_especies
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
nuev1 TTAAACCCGGG

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100) nuev1 (92.3077)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) nuev1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) nuev1 (92.3077)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuev1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuev1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuev1 (96.5517)
g: nuev1 (96.5517)
nuev1:

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) fg (99.2044)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) fg (100) nuev1 (83.3333)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100) nuev1 (92.3077)
d: e (97.1429) fg (100) nuev1 (92.3077)
e: fg (100) nuev1 (66.6667)
fg: nuev1 (96.5517)
nuev1:

# imprime_cluster c
[c]

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) enuev1 (89.4545)
b: c (87.5) d (87.5) enuev1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) e (94.4444) fg (100) enuev1 (93.2127)
d: e (97.1429) fg (100) enuev1 (94.7253) fg (100)
enuev1: fg (98.2759)
fg:

# imprime_cluster ac
ERROR: El cluster ac no existe.

# imprime_cluster eg
ERROR: El cluster eg no existe.

# imprime_cluster enuev1
[(enuev1, 33.3333) [e][nuev1]]

# ejecuta_paso_wpgma
ac: b (89.2045) d (87.39) enuev1 (91.3336) fg (97.2222)
b: d (87.5) enuev1 (83.6022) fg (100)
c: e (94.4444) fg (100) enuev1 (88)
d: enuev1 (94.7253) fg (100) enuev1 (83.3333)
enuev1: fg (98.2759)
fg: nuev1 (92.3077)

# ejecuta_paso_wpgma
ac: benuev1 (90.2691) d (87.39) fg (97.2222)
benuev1: d (91.1126) fg (99.1379)
d: fg (100)
fg:
```

```

# imprime_cluster ac
[(ac, 35.7143) [a][c]]

# crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCTTAAACA
# lee_cjt_especies

# ejecuta_paso_wpgma
acd: benuevo1 (90.6909) fg (98.6111)
benuevo1: fg (99.1379)
fg:

# ejecuta_paso_wpgma
acdbenuevo1: fg (98.8745)
fg:

# imprime_cluster ac
ERROR: El cluster ac no existe.

# inicializa_clusters
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (82.9787)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667) nuevo2 (85.4167)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143)
g: nuevo1 (96.5517) nuevo2 (100)
nuevo1: nuevo2 (90.6977)
nuevo2:

# crea_especie nuevo2 AAA
ERROR: La especie nuevo2 ya existe.

# imprime_arbol_filogenetico

```

```

[(bnuevo2enuevo1cdfg, 49.7287) [(bnuevo2enuevo1cd, 45.
# lee_cjt_especies
# tabla_distancias
# imprime_arbol_filogenetico
ERROR: El conjunto de clusters es vacio.
# ejecuta_paso_wpgma
ERROR: num_clusters <= 1
# crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# imprime_cjt_especies
pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
#(100) laudistlar(83333) nuevo2 (82.9787)
pangolin(92.3077) nuevo2 (87.7551)
#(85.4167)gen pangolin
#(98.2143)AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# imprime_arbol_filogenetico
[pangolin]
# ejecuta_paso_wpgma
ERROR: num_clusters <= 1

```

Información del problema

Autor : PRO2
Generación : 2020-05-22 23:35:51

© *Jutge.org*, 2006–2020.
<https://jutge.org>